## **RAW SEQUENCE LISTING**

The Biotechnology Systems Branch of the Scientific and Technical Information Center (STIC) no errors detected.

Application Serial Number:	10/529,5/2
Source:	PCT
Date Processed by STIC:	7//0/06
· ·	7 7

## ENTERED



1

PCT

RAW SEQUENCE LISTING DATE: 07/10/2006
PATENT APPLICATION: US/10/529,512 TIME: 10:21:22

Input Set : A:\BER03US1.APP

```
3 <110 > APPLICANT: WHITE, JOHN
        FERNANDES, ISABELLE
 6 <120> TITLE OF INVENTION: NUCLEAR RECEPTOR TRANSCRIPTIONAL COREPRESSOR AND USES
        THEREOF
9 <130> FILE REFERENCE: BER-003US1
11 <140> CURRENT APPLICATION NUMBER: 10/529,512
12 <141> CURRENT FILING DATE: 2005-03-25
14 <150> PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/CA03/01477
15 <151> PRIOR FILING DATE: 2003-09-25
17 <150> PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/413,602
18 <151> PRIOR FILING DATE: 2002-09-26
20 <160> NUMBER OF SEQ ID NOS: 30
22 <170> SOFTWARE: PatentIn Ver. 3.3
24 <210> SEQ ID NO: 1
25 <211> LENGTH: 1828
26 <212> TYPE: DNA
27 <213> ORGANISM: Homo sapiens
29 <220> FEATURE:
30 <221> NAME/KEY: CDS
31 <222> LOCATION: (527)..(1825)
33 <400> SEQUENCE: 1
34 ccacgacaac ccactgcaag cagatccagc agctgcttcc tgtaatgcag gactccccag 60
36 gagcacccag gcatgggcag caacccctgc atgccattct ttttgggctc ccgagaacag 120
38 ggagataaac accaccatca tetgagagec gggaagggga aggegagggt gtgtaggegg 180
40 cacgaatgct ccgttgagag acgcggcttt cggcaagaac tggattcgtg gcgccacaag 240
42 ctcattcact gtgtaggtcc cgtttccctc tgtgcggcgg ccggcgggac cataagggct 300
44 taactcatat atttaacccc cctccaaaaa ggtttgaaag tattcttgaa gggctgtttg 360
46 gacctgcatt attaaaagat ctcagtttat ttaaagactg tgaacctgaa agcatttctg 420
48 attggacttt tgatgaaaac tgtttattct gttgcttgag aagagataaa gtaaagacag 480
50 tecetgggte tecgacecea atatteceet agtggeeegt gagate atg eag ega
                                                                      535
51
                                                      Met Gln Arg
52
54 atg atc caa caa ttt gct gct gaa tat acc tca aaa aat agc tct act
                                                                      583
55 Met Ile Gln Gln Phe Ala Ala Glu Tyr Thr Ser Lys Asn Ser Ser Thr
                            10
58 cag gac ccc agc cag ccc aat agc aca aag aac caa agc ctg ccg aaa
59 Gln Asp Pro Ser Gln Pro Asn Ser Thr Lys Asn Gln Ser Leu Pro Lys
60 20
                        25
                                            30
62 gca tct cca gtc acc tct ccc acg gct gca act act cag aac cct
63 Ala Ser Pro Val Thr Thr Ser Pro Thr Ala Ala Thr Thr Gln Asn Pro
66 gtg ctc agc aaa ctt ctc atg gct gac caa gac tca cct ctg gac ctt
67 Val Leu Ser Lys Leu Leu Met Ala Asp Gln Asp Ser Pro Leu Asp Leu
```

Input Set : A:\BER03US1.APP

8 55 60 65	
* · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	775
1 Thr Val Arg Lys Ser Gln Ser Glu Pro Ser Glu Gln Asp Gly Val Leu	
2 70 75 80	
	823
5 Asp Leu Ser Thr Lys Lys Ser Pro Cys Ala Gly Ser Thr Ser Leu Ser	
6 85 90 95	
8 cac tot oca ggo tgo too agt act caa ggg aac ggg oga oot ggg aga	871
9 His Ser Pro Gly Cys Ser Ser Thr Gln Gly Asn Gly Arg Pro Gly Arg	
0 100 105 110 115	
2 ccc age cag tac ege eea gae gga ett egg agt ggt gat ggg gta eet	919
3 Pro Ser Gln Tyr Arg Pro Asp Gly Leu Arg Ser Gly Asp Gly Val Pro	
4 120 125 130	
· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	967
7 Pro Arg Ser Leu Gln Asp Gly Thr Arg Glu Gly Phe Gly His Ser Thr	
8 135 140 145	
	1015
1 Ser Leu Lys Val Pro Leu Ala Arg Ser Leu Gln Ile Ser Glu Glu Leu	
2 150 155 160	
	1063
5 Leu Ser Arg Asn Gln Leu Ser Thr Ala Ala Ser Leu Gly Pro Ser Gly	
6 165 170 175	
8 tta cag aat cat gga caa cac tta ata tta tcc agg gaa gcc tct tgg 9 Leu Gln Asn His Gly Gln His Leu Ile Leu Ser Arg Glu Ala Ser Trp	1111
00 180 185 190 195	
02 gca aaa cca cat tac gag ttc aac ctc agc cgt atg aag ttc agg gga	1159
03 Ala Lys Pro His Tyr Glu Phe Asn Leu Ser Arg Met Lys Phe Arg Gly	1100
04 200 205 210	
06 aat ggt gca ctc agc aac atc agt gac ctt cct ttt ctt gca gaa aac	1207
07 Asn Gly Ala Leu Ser Asn Ile Ser Asp Leu Pro Phe Leu Ala Glu Asn	
08 215 220 225	
10 tct gcc ttt cca aaa atg gca ctt caa gca aaa caa gat gga aaa aag	1255
11 Ser Ala Phe Pro Lys Met Ala Leu Gln Ala Lys Gln Asp Gly Lys Lys	
12 230 235 240	
14 gac gtg agc cat tca tct cct gta gat tta aag ata cca caa gtt cga	1303
15 Asp Val Ser His Ser Ser Pro Val Asp Leu Lys Ile Pro Gln Val Arg	
16 245 250 255	
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat	1351
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr	1351
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 270 275	1351
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa	1351 1399
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa 23 Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys	
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa 23 Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys 24 280 285 290	1399
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa 23 Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys 24 280 285 290 26 tta agg gct att ctt cca aaa caa agt aga aaa agc atg tta gat gct	
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa 23 Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys 24 280 285 290 26 tta agg gct att ctt cca aaa caa agt aga aaa agc atg tta gat gct 27 Leu Arg Ala Ile Leu Pro Lys Gln Ser Arg Lys Ser Met Leu Asp Ala	1399
18       gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat         19       Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr         20       260         22       agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa         23       Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys         24       280         28       285         28       290         26       24         28       28         28       28         29       28         29       28         29       29         20       29         20       29         20       28         28       29         29       29         20       29         20       29         20       28         22       28         23       29         24       29         25       28         26       29         27       28         28       29         29       29         20       29         20       20         20	1399 1447
18 gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat 19 Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr 20 260 265 270 275 22 agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa 23 Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys 24 280 285 290 26 tta agg gct att ctt cca aaa caa agt aga aaa agc atg tta gat gct 27 Leu Arg Ala Ile Leu Pro Lys Gln Ser Arg Lys Ser Met Leu Asp Ala 28 295 300 305 30 ggg ccc gat tct tgg ggc tca gat gct gag cag tct acc cct gga cag	1399
18       gga atg gat ctt tct tgg gag tct cgc act ggt gat cag tac agc tat         19       Gly Met Asp Leu Ser Trp Glu Ser Arg Thr Gly Asp Gln Tyr Ser Tyr         20       260         22       agc tct ttg gta atg ggt tca caa acg gag agc gcg ctt agt aaa aaa         23       Ser Ser Leu Val Met Gly Ser Gln Thr Glu Ser Ala Leu Ser Lys Lys         24       280         28       285         28       290         26       24         28       28         28       28         29       28         29       28         29       29         20       29         20       29         20       28         28       29         29       29         20       29         20       29         20       28         22       28         23       29         24       29         25       28         26       29         27       28         28       29         29       29         20       29         20       20         20	1399 1447

Input Set : A:\BER03US1.APP

135		Tyr					Gln					Gly		aag Lys			1543
136	~~~	325	222	202	~~~	aat	330	202	a	+ > 0	224	335	~~~	2+2	ata	a2a	1591
														ata Ile			1331
	340	цур	пуъ	Arg	GIY	345	TYL	Arg	GIII	TYL	350	Ser	GIU	116	пеи	355	
		aca	atc	tra	ata		ato	agt	aaa	aaa		agt	att	tcc	aaa		1639
														Ser			1035
144	Olu	niu	110	UCI	360	val		001	<b>0</b> ± <i>y</i>	365		001	<b>V</b> u.	001	370	1114	
	cag	agt.	att	t.at.		att	ccc	cac	agt.		cta	gag	tac	aaa		aaq	1687
														Lys			
148				375	1				380				-1 -	385		-2	
	qaq	aqq	ctq		act	ttq	aaa	aac		cca	aaq	aaa	aaq	atg	aaa	tta	1735
	_		_			_							_	Met			
152		_	390	-			-	395			-	-	400		-		
154	atg	agg	tcg	gag	ggg	cca	gat	gtt	tct	gta	aag	att	gaa	tta	gat	CCC	1783
155	Met	Arg	Ser	Glu	Gly	Pro	Asp	Val	Ser	Val	Lys	Ile	Glu	Leu	Asp	Pro	
156		405					410					415					
														gag	tag		1828
159	Gln	Gly	Glu	Ala	Ala	Gln	Ser	Ala	Asn	Glu	Ser	Lys	Asn	Glu			
	420					425					430						
	<210																
	<21:				33												
	<212																
166	<21	3 > OI	RGAN.	ISM:	Home	o sar	oiens	S									
						•	•										
	<400		EQUEI	NCE:	2						<b>~1</b>	m	<b>m</b> 1	<b>G</b>	<b>.</b>		
169	Met		EQUEI	NCE:	2 Ile				Ala		Glu	Tyr	Thr	Ser		Asn	
169 170	Met 1	Gln	EQUEI Arg	NCE: Met	2 Ile 5	Gln	Gln	Phe		10		_			15		
169 170 172	Met 1	Gln	EQUEI Arg	NCE: Met Gln	2 Ile 5	Gln	Gln	Phe	Pro	10		_		Asn	15		
169 170 172 173	Met 1 Ser	Gln Ser	EQUEI Arg Thr	MCE: Met Gln 20	2 Ile 5 Asp	Gln Pro	Gln Ser	Phe Gln	Pro 25	10 Asn	Ser	Thr	Lys	Asn 30	15 Gln	Ser	
169 170 172 173 175	Met 1 Ser	Gln Ser	EQUEI Arg Thr Lys	MCE: Met Gln 20	2 Ile 5 Asp	Gln Pro	Gln Ser	Phe Gln Thr	Pro 25	10 Asn	Ser	Thr	Lys Ala	Asn	15 Gln	Ser	
169 170 172 173 175 176	Met 1 Ser Leu	Gln Ser Pro	EQUEI Arg Thr Lys 35	NCE: Met Gln 20 Ala	2 Ile 5 Asp Ser	Gln Pro	Gln Ser Val	Phe Gln Thr 40	Pro 25 Thr	10 Asn Ser	Ser Pro	Thr	Lys Ala 45	Asn 30 Ala	15 Gln Thr	Ser Thr	
169 170 172 173 175 176	Met 1 Ser Leu	Ser Pro Asn	EQUEI Arg Thr Lys 35	NCE: Met Gln 20 Ala	2 Ile 5 Asp Ser	Gln Pro	Gln Ser Val	Phe Gln Thr 40	Pro 25 Thr	10 Asn Ser	Ser Pro	Thr	Lys Ala 45	Asn 30	15 Gln Thr	Ser Thr	
169 170 172 173 175 176 178	Met 1 Ser Leu Gln	Gln Ser Pro Asn 50	EQUEI Arg Thr Lys 35 Pro	MCE: Met Gln 20 Ala Val	2 Ile 5 Asp Ser Leu	Gln Pro Pro Ser	Gln Ser Val Lys 55	Phe Gln Thr 40 Leu	Pro 25 Thr Leu	10 Asn Ser Met	Ser Pro Ala	Thr Thr Asp 60	Lys Ala 45 Gln	Asn 30 Ala Asp	15 Gln Thr Ser	Ser Thr Pro	
169 170 172 173 175 176 178	Met 1 Ser Leu Gln	Gln Ser Pro Asn 50	EQUEI Arg Thr Lys 35 Pro	MCE: Met Gln 20 Ala Val	2 Ile 5 Asp Ser Leu	Gln Pro Pro Ser	Gln Ser Val Lys 55	Phe Gln Thr 40 Leu	Pro 25 Thr Leu	10 Asn Ser Met	Ser Pro Ala	Thr Thr Asp 60	Lys Ala 45 Gln	Asn 30 Ala	15 Gln Thr Ser	Ser Thr Pro	
169 170 172 173 175 176 178 179 181	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65	Gln Ser Pro Asn 50 Asp	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val	Gln Pro Pro Ser Arg	Gln Ser Val Lys 55 Lys	Phe Gln Thr 40 Leu Ser	Pro 25 Thr Leu Gln	10 Asn Ser Met	Ser Pro Ala Glu 75	Thr Thr Asp 60 Pro	Lys Ala 45 Gln Ser	Asn 30 Ala Asp Glu	15 Gln Thr Ser	Ser Thr Pro Asp 80	
169 170 172 173 175 176 178 179 181	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65	Gln Ser Pro Asn 50 Asp	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val	Gln Pro Pro Ser Arg	Gln Ser Val Lys 55 Lys	Phe Gln Thr 40 Leu Ser	Pro 25 Thr Leu Gln	10 Asn Ser Met	Ser Pro Ala Glu 75	Thr Thr Asp 60 Pro	Lys Ala 45 Gln Ser	Asn 30 Ala Asp	15 Gln Thr Ser	Ser Thr Pro Asp 80	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly	Gln Ser Pro Asn 50 Asp	EQUEI Arg Thr Lys 35 Pro Leu	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85	Gln Pro Pro Ser Arg 70 Ser	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr	Phe Gln Thr 40 Leu Ser	Pro 25 Thr Leu Gln Lys	10 Asn Ser Met Ser Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro	Thr Thr Asp 60 Pro	Lys Ala 45 Gln Ser	Asn 30 Ala Asp Glu	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95	Ser Thr Pro Asp 80 Thr	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly	Gln Ser Pro Asn 50 Asp	EQUEI Arg Thr Lys 35 Pro Leu	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser	Gln Pro Pro Ser Arg 70 Ser	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr	Phe Gln Thr 40 Leu Ser	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser	10 Asn Ser Met Ser Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly	Asn 30 Ala Asp Glu Gly	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95	Ser Thr Pro Asp 80 Thr	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser	Gln Pro Pro Ser Arg 70 Ser Pro	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 188 190	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Ser	Gln Pro Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 188 190	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Ser	Gln Pro Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 188 190 191 193 194	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly Val	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115 Pro	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Ser Arg	Gln Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln Ser	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr Leu 135	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120 Gln	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser Asp	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr Gly	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg 140	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125 Glu	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly Phe	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp Gly	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 188 190 191 193 194 196	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro Gly His	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly Val	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115 Pro	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Ser Arg	Gln Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln Ser Lys	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr Leu 135	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120 Gln	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser Asp	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr Gly Thr Arg	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg 140	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125 Glu	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly Phe	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp Gly Ser	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 191 193 194 196	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro Gly His 145	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly Val 130 Ser	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115 Pro Thr	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Ser Arg	Gln Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln Ser Lys 150	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr Leu 135 Val	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120 Gln Pro	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro Asp	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser Asp Gly	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr Gly Thr Arg 155	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg 140 Ser	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125 Glu Leu	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser Gly	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly Phe Ile	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp Gly Ser 160	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 198 191 193 194 196 197	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro Gly His 145	Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly Val 130 Ser	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115 Pro Thr	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro Pro	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Arg Leu Ser	Gln Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln Ser Lys 150	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr Leu 135 Val	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120 Gln Pro	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro Asp	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser Asp Gly Ala Ser	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr Gly Thr Arg 155	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg 140 Ser	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125 Glu Leu	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly Phe Ile Leu	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp Gly Ser 160	
169 170 172 173 175 176 178 179 181 182 184 185 187 198 191 193 194 196 197 199 200	Met 1 Ser Leu Gln Leu 65 Gly Ser Pro Gly His 145 Glu	Gln Ser Pro Asn 50 Asp Val Leu Gly Val 130 Ser Glu	EQUENT Arg Thr Lys 35 Pro Leu Leu Ser Arg 115 Pro Thr Leu	MCE: Met Gln 20 Ala Val Thr Asp His 100 Pro Pro Ser Leu	2 Ile 5 Asp Ser Leu Val Leu 85 Ser Arg Leu Ser 165	Gln Pro Ser Arg 70 Ser Pro Gln Ser Lys 150 Arg	Gln Ser Val Lys 55 Lys Thr Gly Tyr Leu 135 Val Asn	Phe Gln Thr 40 Leu Ser Lys Cys Arg 120 Gln Pro Gln	Pro 25 Thr Leu Gln Lys Ser 105 Pro Asp Leu Leu	10 Asn Ser Met Ser Ser 90 Ser Asp Gly Ala Ser 170	Ser Pro Ala Glu 75 Pro Thr Gly Thr Arg 155 Thr	Thr Thr Asp 60 Pro Cys Gln Leu Arg 140 Ser Ala	Lys Ala 45 Gln Ser Ala Gly Arg 125 Glu Leu Ala	Asn 30 Ala Asp Glu Gly Asn 110 Ser Gly	15 Gln Thr Ser Gln Ser 95 Gly Gly Phe Ile Leu 175	Ser Thr Pro Asp 80 Thr Arg Asp Gly Ser 160 Gly	

Input Set : A:\BER03US1.APP

202				100					185					100		
203	77.	0	TT	180	T	Dec	11: ~	m		Dho	7	T	Com	190	Mot	Trra
	Ala	ser	_	Ald	ьуѕ	PIO	HIS	_	Glu	Pne	ASII	ьеи		Arg	Mec	гуѕ
206	_,	_	195	_	~ 7		_	200	_		_	_	205	_	-1	_
	Phe	_	GLY	Asn	GLY	Ala		Ser	Asn	lle	ser	_	Leu	Pro	Pne	Leu
209		210					215					220			_	
		Glu	Asn	Ser	Ala		Pro	Lys	Met	Ala		Gln	Ala	Lys	Gln	
	225					230					235					240
214	Gly	Lys	Lys	Asp	Val	Ser	His	Ser	Ser	Pro	Val	Asp	Leu	Lys	Ile	Pro
215					245					250					255	
217	Gln	Val	Arg	Gly	Met	Asp	Leu	Ser	Trp	Glu	Ser	Arg	Thr	Gly	Asp	Gln
218				260					265					270		
220	Tyr	Ser	Tyr	Ser	Ser	Leu	Val	Met	Gly	Ser	Gln	Thr	Glu	Ser	Ala	Leu
221	_		275					280					285			
223	Ser	Lys	Lys	Leu	Arq	Ala	Ile	Leu	Pro	Lys	Gln	Ser	Arq	Lys	Ser	Met
224		290	•		_		295			-		300	Ū	•		
226	Leu	Asp	Ala	Glv	Pro	Asp	Ser	Trp	Gly	Ser	Asp	Ala	Glu	Gln	Ser	Thr
	305					310		•	-		315					320
		Glv	Gln	Pro	Tvr		Thr	Ser	Asp	Gln		Glv	Asp	Pro	Glv	
230		0-1			325					330		<b></b> 1			335	
	Tare	Gln	Pro	Δra		Lvs	Ara	Glv	Arg		Ara	Gln	Tyr	Asn		Glu
233	2,0	<b></b>	110	340	_,,	2,5	5	011	345	-1-		<b>0111</b>	-1-	350		
	Tla	T.011	Glu		Δla	Tle	Ser	Val	Val	Met	Ser	Glv	Larg		Ser	Val
236	110	пси	355	OIU	AΙα	110	JCI	360	vai	1100	DCI	O <sub>T</sub> y	365	1100	DCI	Val
	Cor	Lvc		Cln	cor	Tla	Тугт		Ile	Dro	uic	Sar		Lau	Glu	Тиг
239	Ser	370	ніа	GIII	SET	116	375	Gry	116	FIU	nis	380	1111	пец	Gru	TYL
	T		T	C1.,	71 ***	T 011		mp~	T 011	Tree	7 ~~		Dro	T ***	Tvra	Tura
	_	vai	ьуѕ	Gru	Arg		GIY	TIIL	Leu	цуѕ		PLO	PIO	гуу	пуѕ	
	385	•	T	W-L	3	390	<u>ما</u>	a1	D	7	395	<b>a</b>	**- 1	T	<b>71.</b>	400
	мет	гÀг	Leu	met		ser	GIU	GIY	Pro	_	vai	ser	vai	гуѕ		GIU
245	_	_	_	~-7	405	~-7			~ 7	410		_	~ 7	_	415	_
	Leu	Asp	Pro		GIY	GIu	Ala	Ala	Gln	Ser	Ala	Asn	GIU		ьуs	Asn
248				420					425					430		
	Glu															
				ON C												
				H: 60	)											
			YPE:													
						o sap	pien	5								
				VCE:												
261	Lys	Gln	Pro	Lys	Lys	Lys	Arg	Gly	Arg	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Asn	Ser	Glu
262	1				5					10					15	
264	Ile	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Val	Val	Met	Ser	Gly	Lys	Met	Ser	Val
265				20					25					30		
267	Ser	Lys	Ala	Gln	Ser	Ile	Tyr	Gly	Ile	Pro	His	Ser	Thr	Leu	Glu	Tyr
268		_	35				_	40					45			_
	Lys	Val	Lys	Glu	Arg	Leu	Gly	Thr	Leu	Lys	Asn	Pro				
271	-	50	-		_		55			•		60				
	<21	)> SI	EQ II	ON C	: 4											
				H: 1'												
			YPE:													
					Art	ific:	ial :	Sean	ence							
_ , ,		01						44								

Input Set : A:\BER03US1.APP

Output Set: N:\CRF4\07102006\J529512.raw

279 <220> FEATURE: 280 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide 283 <400> SEQUENCE: 4 284 Gln Asp Pro Ser Gln Pro Asn Ser Thr Lys Asn Gln Ser Leu Pro Lys 5 10 285 287 Ala 291 <210> SEQ ID NO: 5 292 <211> LENGTH: 30 293 <212> TYPE: DNA 294 <213> ORGANISM: Artificial Sequence 296 <220> FEATURE: 297 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic 298 primer 300 <400> SEQUENCE: 5 30 301 ccggaattcc ggatgaccat gaccctccac 304 <210> SEQ ID NO: 6 305 <211> LENGTH: 31 306 <212> TYPE: DNA 307 <213> ORGANISM: Artificial Sequence 309 <220> FEATURE: 310 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic primer 311 313 <400> SEQUENCE: 6 31 314 cgggatcccg tcaaaggtgg acctgatcat g 317 <210> SEQ ID NO: 7 318 <211> LENGTH: 40 319 <212> TYPE: DNA 320 <213> ORGANISM: Artificial Sequence 322 <220> FEATURE: 323 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic 324 primer 326 <400> SEQUENCE: 7 40 327 ccggaattcc ggcccgggca tgagacagtc cctgggtctc 330 <210> SEQ ID NO: 8 331 <211> LENGTH: 20 332 <212> TYPE: DNA 333 <213> ORGANISM: Artificial Sequence 335 <220> FEATURE: 336 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic primer 337 339 <400> SEQUENCE: 8 340 ttcttggagg taccccatca 20 343 <210> SEQ ID NO: 9 344 <211> LENGTH: 30 345 <212> TYPE: DNA 346 <213> ORGANISM: Artificial Sequence 348 <220> FEATURE: 349 <223> OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: Synthetic

Input Set : A:\BER03US1.APP

Output Set: N:\CRF4\07102006\J529512.raw

## Please Note:

Use of n and/or Xaa have been detected in the Sequence Listing. Please review the Sequence Listing to ensure that a corresponding explanation is presented in the <220> to <223> fields of each sequence which presents at least one n or Xaa.

Seq#:18; Xaa Pos. 2,4,6,8
Seq#:21; Xaa Pos. 5,6,7
Seq#:22; Xaa Pos. 2,6,7

VERIFICATION SUMMARY

. . . . .

DATE: 07/10/2006

PATENT APPLICATION: US/10/529,512 TIME: 10:21:23

Input Set : A:\BER03US1.APP

Output Set: N:\CRF4\07102006\J529512.raw

L:493 M:341 W: (46) "n" or "Xaa" used, for SEQ ID#:18 after pos.:0 L:550 M:341 W: (46) "n" or "Xaa" used, for SEQ ID#:21 after pos.:0 L:574 M:341 W: (46) "n" or "Xaa" used, for SEQ ID#:22 after pos.:0